

甘肃陇南中梁系列冬小麦品种抗条锈病性分析及利用

车卓¹, 岳维云², 曹世勤^{3,4*}, 贾秋珍^{3,4}, 王万军⁵, 宋建荣²,
黄苗苗⁶, 孙振宇^{3,4}, 黄瑾^{3,4}, 王晓明^{3,4}, 张勃^{3,4}

(1. 甘肃省种子站, 兰州 730070; 2. 天水市农业科学研究所, 天水 741000; 3. 甘肃省农业科学院植物保护研究所, 兰州 730070; 4. 农业农村部天水作物有害生物科学观测实验站, 天水 741200; 5. 天水市农业科学研究所甘谷试验站, 天水 741200; 6. 甘肃农业大学植物保护学院, 兰州 730070)

摘要 种植抗病品种是防治小麦条锈最经济有效且有利于环境保护的措施。2016年—2018年,在甘肃陇南两个不同生态区甘谷和汪川试验点对8个中梁系列冬小麦品种‘中梁25号’~‘中梁32号’进行了成株期抗条锈性分析,并在温室进行了苗期抗条锈病性评价。成株期抗条锈性鉴定结果表明:‘中梁25号’~‘中梁28号’对接种及自然诱发的条锈菌单孢菌系及混合菌均表现感病;‘中梁29号’对条锈菌CYR32、CYR33、中4-1表现抗病,对条锈菌CYR34和G22-14表现中抗~中感;‘中梁30号’~‘中梁32号’对供试条锈菌单孢菌系及混合菌表现免疫到中抗。抗条锈病基因检测发现:‘中梁26号’和‘中梁27号’含有抗病基因Yr9,‘中梁29号’含有抗病基因Yr26,其余品种含有未知抗条锈病基因。同时对后CYR34时期供试品种在甘肃陇南的利用前景进行了讨论。

关键词 冬小麦品种; 中梁系列; 抗条锈性; 分析; 利用

中图分类号: S 435.121.42 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2019051

Resistance analysis of Zhongliang winter wheat varieties to stripe rust in Longnan of Gansu province

CHE Zhuo¹, YUE Weiyun², CAO Shiqin^{3,4*}, JIA Qiuzhen^{3,4}, WANG Wanjun⁵, SONG Jianrong²,
HUANG Miaomiao⁶, SUN Zhenyu^{3,4}, HUANG Jin^{3,4}, WANG Xiaoming^{3,4}, ZHANG Bo^{3,4}

(1. Gansu Seed Station, Lanzhou 730070, China; 2. Tianshui Institute of Agricultural Sciences, Tianshui 741000, China; 3. Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China; 4. Scientific Observing and Experimental Station of Crop Pests in Tianshui, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianshui 741200, China; 5. Gangu Testing Station, Tianshui Institute of Agricultural Sciences, Tianshui 741200, China; 6. College of Plant Protection, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Abstract Wheat stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), is one of the most destructive diseases in wheat in Longnan, Gansu province and China. Planting resistant wheat varieties is one of the most economical, environment friendly and effective methods to control wheat stripe rust in field. The seedling stage and adult-plant stage resistance of eight winter wheat varieties, ‘Zhongliang 25’ to ‘Zhongliang 32’ were identified by artificial inoculation of different races/isolates of *Pst* (CYR32, CYR33, CYR 34, G22-14 and Zhong 4-1) and mixtures of *Pst* in low-temperature greenhouse in Lanzhou and Gangu testing station during 2016–2018. Meanwhile, the adult-plant stage resistance of varieties was also evaluated in the field of Gangu and Wangchuan testing station. The results showed that ‘Zhongliang 25’, ‘Zhongliang 26’, ‘Zhongliang 27’ and ‘Zhongliang 28’ were susceptible to the tested races/isolates and the mixtures of natural isolates in all-stage. The ‘Zhongliang 29’ showed moderate resistance to moderate susceptible against CYR 34, G22-14 and resistant to CYR32, CYR33

收稿日期: 2019-01-29 修订日期: 2019-05-05

基金项目: 国家自然科学基金地区基金(31560504); 国家重点研发计划(2018YFD0200405); 甘肃省农业科学院农业科技创新专项(2017GAAS45); 甘肃省小麦产业技术体系岗位科学家(GARS-01-07, GARS-01-05)

* 通信作者 E-mail: caoshiqin6702@163.com

and Zhong 4-1. The ‘Zhongliang 30’, ‘Zhongliang 31’ and ‘Zhongliang 32’ showed immune to resistant to tested single and mixed isolates of *Pst* in all-stage. Molecular detection of resistant *Yr* genes showed that the ‘Zhongliang 26’ and ‘Zhongliang 27’ had *Yr9*, ‘Zhongliang 29’ had *Yr26*, and other wheat varieties had unknown resistant genes. Application prospect of these wheat varieties at CYR34 post stage was discussed.

Key words winter wheat variety; Zhongliang lines; resistance to stripe rust; analysis; utilization

小麦条锈病是发生于甘肃陇南及中国小麦上的最主要病害。种植抗病品种是防治该病最经济有效且有利于环境保护的措施^[1-2]。自 2009 年以来,随着以 CYR34 为代表的贵农 22 致病类群的出现和积累,不仅导致我国重要的抗源材料‘贵农 22’、‘南农 92R’及其衍生系材料‘兰天 17 号’、‘中梁 29 号’、‘天选 43 号’等先后在甘肃陇南田间丧失抗性^[3-9],而且引致 2017 年小麦条锈病在我国黄淮海小麦主产区大范围流行,全国发生面积约 556 万 hm²,是 2002 年以来发生面积最大的一年。抗病品种缺乏是造成条锈病流行最主要的原因之一^[10]。

以‘中梁 32 号’为代表的中梁系列冬小麦品种由天水市农业科学研究所中梁试验站选育而成,具有抗条锈病突出、丰产性好、适应性广的特点,是当前甘肃陇南山区最重要生产品种之一。这些品种的推广利用为持续控制甘肃陇南及中国小麦条锈病的发生流行、保障黄淮海麦区小麦安全生产发挥了重要作用。已有研究结果发现,甘肃陇南是小麦条锈病的常发易变区,是条锈菌新小种的“策源地”^[1],而

转主寄主小檗的广泛分布是造成甘肃陇南成为我国条锈菌“易变区”主要原因之一^[11]。截至目前,由于条锈菌-寄主互作,条锈菌新优势小种的出现已在全国范围内造成 8 次大规模的品种更替^[12]。延长抗病品种使用年限,持续控制甘肃陇南小麦条锈病的发生流行,保障甘肃省及中国小麦增产增收是长期摆在植物病理学家及抗病育种专家面前的一道难题。近年来,国内相关专家开展了甘肃省部分小麦品种抗病性特点分析,但在 CYR34 成为主要流行小种的现状下,尚未对中梁系列冬小麦品种的抗条锈性开展过系统研究。基于此,作者开展了中梁系列冬小麦品种抗条锈性特点分析和抗病基因分子检测,旨在为更好地利用中梁系列品种打下良好基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试中梁系列品种来自甘肃省天水市农业科学研究所,其组合及审定年份见表 1。

表 1 供试中梁系列品种名称、组合及其审定年份

Table 1 Wheat varieties of Zhongliang lines, combinations and named code

序号 No.	品种名称 Variety	组合 Combination	审定代号 Named code
1	中梁 25 号	中 4/92348F1//92553F1	甘审麦 2006004
2	中梁 26 号	兰天 1 号/8619-52//山农 8057///临汾 82-501//Ciemenp/8W5015	甘审麦 2006005
3	中梁 27 号	90293//中梁 12/中 4//保加利亚 10/威农 4 号	甘审麦 2008008
4	中梁 28 号	中 4、钱保德、皖 8301、绵 87-31、早 7014-20、中梁 23 号	甘审麦 2009012
5	中梁 29 号	92R137/938-4	甘审麦 2009013
6	中梁 30 号	Holdfast/中梁 22 号	甘审麦 2010016
7	中梁 31 号	洮 157/82(348)/AT8118 号//洮 157	甘审麦 2011009
8	中梁 32 号	新抗 12 号/中 04304	甘审麦 2017008

用于苗期、成株期抗病性评价的条锈菌单孢菌系 CYR29、CYR32、CYR33、CYR34、G22-14 和混合菌,用于分子检测的抗病单基因系‘*Yr5* * 6 Avocet S’、‘*Yr9* * 6 Avocet S’、‘*Yr10* * 6 Avocet S’、‘*Yr15* * 6 Avocet S’、‘*Yr18* * 6 Avocet S’、‘*Yr26* * 6 Avocet S’以及感病对照品种‘Avocet S’和‘铭贤 169’均由甘肃省农业科学院植物保护研究所小麦病害课题组提供。

1.2 试验方法

1.2.1 抗条锈性评价

1.2.1.1 接种鉴定

2016 年—2018 年在甘肃省农业科学院植物保护研究所兰州低温温室和甘谷试验站,分别分小种进行苗期和成株期抗条锈性人工接种鉴定。其中苗期接种时间为小麦 1 叶 1 心期,采用抖孢子粉法接种;成株期接种时间为小麦孕穗期,采用孢子悬浮液

喷雾法接种^[13]。

1.2.1.2 自然诱发鉴定

2016 年—2018 年在甘肃省农业科学院植物保护研究所甘谷试验站(海拔 1 270 m)和天水市秦州区汪川良种场(海拔 1 680 m)进行成株期抗条锈病性评价。在感病对照品种‘铭贤 169’发病高峰期(5 月下旬到 6 月上旬)分别记载两次两地供试品种的病情(反应型/

严重度/普遍率)^[14],以最重 1 次为终期病情。

1.2.2 苗期抗条锈基因检测

选用国内外现已开发的抗条锈病基因 *Yr5*^[15]、*Yr9*^[16]、*Yr10*^[17]、*Yr15*^[18]、*Yr18*^[19] 和 *Yr26*^[20] 的 SCAR、STS 或 CAPS 标记,采用相关文献方法进行分子检测(表 2)。用于检测 *Yr* 基因分子标记的引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。

表 2 用于检测小麦抗条锈病基因的分子标记及其引物序列

Table 2 Molecular markers and primer sequences for the detection of stripe rust resistance genes

Yr 基因 Yr gene	分子标记 Linked flanking marker	引物序列 (5'-3') Primer sequence	遗传距离/cM Genetic distance
Yr5	STS9/STS10	CAATAGTTAGGCAAATTACATCG TGCAAAGTACCTCATTGAGAA	0.30
Yr9	AF1/AF4	GGAGACATCATGAAACATTG CTGTTGTTGGGCAGAAAG	—
Yr10	SC200	CTGCAGAGTGACATCATA TCGAACTAGTAGTCTGGC	0.50
Yr15	Barc8	GCGGGAATCATGCATAGGAAAACAGAA GCGGGGGCGAAACATACATAAAAAACA	9.00
Yr18	cs LV34	AGCAGTGAGGAAGGGGATC GTTGGTTAAGACTGGTGTGG	2.50
Yr26	Gwm11	CGCTGGAGGGGGTAAGTCATCAC CGCAAATCAAGAACACGGGAGAAAGAA	1.90

2 结果与分析

2.1 抗病性评价

2.1.1 接种鉴定

综合 2016 年—2018 年试验结果,在苗期和成株期,供试品种‘中梁 25 号’~‘中梁 28 号’对所有

供试条锈菌小种、致病类型和混合菌表现感病;‘中梁 29 号’对条锈菌 CYR32、CYR33 和中 4-1 表现抗病,对条锈菌 CYR34、G22-14 和混合菌表现感病;‘中梁 30 号’~‘中梁 32 号’对所有供试条锈菌小种、致病类型和混合菌表现免疫到中抗(表 3 为 2018 年鉴定结果)。

表 3 中梁系列冬小麦品种对供试条锈菌单孢菌系的抗条锈性表现¹⁾

Table 3 Resistance of Zhongliang wheat varieties to tested isolates of *Pst* at seedling stage and adult-plant stage in 2018

品种 Variety	苗期 Seedling stage						成株期 Adult-plant stage					
	CYR32	CYR33	CYR34	G22-14	中 4-1	混合菌	CYR32	CYR33	CYR34	G22-14	中 4-1	混合菌
中梁 25 号	4/40/100	4/60/100	4/40/100	4/40/100	4/60/100	4/60/100	3/20/100	3/40/100	3/20/100	3/10/100	3/40/100	3/40/100
中梁 26 号	3/40/100	3/20/100	3/40/100	4/40/100	3/20/100	3/40/100	3/10/100	3/20/100	3/20/100	3/40/100	3/20/100	3/40/100
中梁 27 号	3/20/100	3/20/80	4/40/80	3/10/100	3/20/100	3/20/100	3/20/100	3/10/100	3/40/100	3/20/100	3/20/100	3/20/100
中梁 28 号	3/10/80	3/10/100	3/10/100	3/20/100	3/40/100	3/20/100	3/20/50	3/20/50	3/40/100	3/10/100	3/20/100	3/40/100
中梁 29 号	0	0	3/20/100	3/10/100	0	3/10/90	0	0	3/20/100	3/10/100	0	3/20/100
中梁 30 号	0	0	2/10/100	0	2/10/20	0	0	2/20/50	0	0	0	2/10/10
中梁 31 号	0	0	2/10/10	0	2/10/10	0	0	0	0	0	0	2/10/50
中梁 32 号	0	0	2/10/90	0	0	0	0	0	0	0	0	0
铭贤 169(CK)	4/40/100	4/60/100	4/40/100	4/60/100	4/60/100	4/60/100	3/60/100	3/40/100	3/40/100	3/40/100	3/40/100	3/40/100

1) 表中数据为反应型/严重度(%) / 普遍率(%)。下同。

Data in the table indicate infection type/severity (%) / percentage (%). The same below.

2.1.2 自然诱发鉴定结果

综合 2016 年—2018 年的监测结果,自然诱发

条件下,‘中梁 25 号’~‘中梁 29 号’成株期表现中感到高感,其中‘中梁 27’虽在田间表现为中感,但

病情指数低于 25, 具有慢条锈病特性; ‘中梁 30 号’~‘中梁 32 号’在两地均表现免疫或中抗, 抗病

性表现优异(表 4 为 2016 年—2018 年两地自然诱发鉴定结果)。

表 4 中梁系列品种在甘谷、汪川两地抗条锈病性表现

Table 4 Resistance of Zhongliang wheat varieties to stripe rust in field of Gangu testing station and Wangchuan farm

品种 Variety	甘谷试验站 Gangu testing station			汪川良种场 Wangchuan farm		
	2015—2016	2016—2017	2017—2018	2015—2016	2016—2017	2017—2018
中梁 25 号	3/40/100	4/20/100	4/60/100	3/20/100	3/20/100	4/20/100
中梁 26 号	4/20/100	3/40/100	3/20/100	3/40/100	4/40/100	4/40/100
中梁 27 号	3/20/100	3/10/100	3/20/80	3/20/100	3/20/100	3/20/100
中梁 28 号	3/20/100	3/10/100	3/20/100	3/40/100	3/20/100	4/20/100
中梁 29 号	3/10/100	3/20/100	3/20/100	4/20/100	4/20/100	3/20/100
中梁 30 号	0	2/10/20	2/10/10	0	0	2/10/10
中梁 31 号	0	0	2/10/20	0	0	0
中梁 32 号	0	2/10/10	0	0	2/10/10	2/10/10
铭贤 169(CK)	4/40/100	3/60/100	3/60/100	4/40/100	4/40/100	3/60/100

2.2 抗条锈基因分子检测

由表 5 结果看出, 供试品种 ‘中梁 26 号’ 和 ‘中梁 27 号’ 含有 Yr9 抗病基因, ‘中梁 29 号’ 含有 Yr26 抗病基因, 其余抗病基因未检出, 推测含有未知抗条锈病基因。

表 5 供试中梁系品种抗条锈基因分子检测¹⁾

Table 5 Molecular detection of Yr genes in tested

Zhongliang wheat varieties to stripe rust

品种 Variety	检测基因 Detected Yr genes					
	Yr5	Yr9	Yr10	Yr15	Yr18	Yr26
中梁 25 号	—	—	—	—	—	—
中梁 26 号	—	+	—	—	—	—
中梁 27 号	—	+	—	—	—	—
中梁 28 号	—	—	—	—	—	—
中梁 29 号	—	—	—	—	—	+
中梁 30 号	—	—	—	—	—	—
中梁 31 号	—	—	—	—	—	—
中梁 32 号	—	—	—	—	—	—

1) “—”表示不携带其抗病基因; “+”表示携带其抗病基因。
“—”: Absent; “+”: Present.

3 结论与讨论

3.1 后 CYR34 时期甘肃陇南抗条锈育种策略

甘肃陇南是我国小麦条锈菌最重要的核心越冬区, 不仅是条锈菌东部麦区越冬和春季流行的菌源基地, 而且是中国条锈菌新小种最重要的策源地^[1,21]。贾秋珍等^[9]研究发现, 近年来甘肃省小麦条锈菌生理小种变异的主要特点是新的贵农 22 致病类群上升迅猛, 且内部分化强烈, 其中 CYR34 出现频率高、毒性强、致病范围广。今后一段时期内若温湿度条件适合, 将会有小麦条锈病在甘肃省及全

国范围内大面积发生流行的风险。

虽然近年来甘肃省相关育种单位与中国农业科学院植物保护研究所和作物科学研究所、西北农林科技大学等协作, 提出了甘肃陇南抗条锈病育种思路和策略^[22-23], 并开展了抗病基因库组建、抗病基因合理布局与利用、抗病基因挖掘与新基因标记、抗病新品种选育与利用等研究, 取得了较好的进展。但从近年来我国小麦条锈菌群体结构变化特点看, 甘肃省及我国其他地区小麦条锈菌仍处于一个变化活跃和向多极化方向发展的过程, CYR34 已成为甘肃省条锈菌第一位流行小种, 故甘肃陇南小麦抗条锈育种应从抗 CYR33 和 CYR32 为主转向以抗 CYR34 为主, 兼抗 CYR33 和 CYR32 及其他主要类型^[9,23]。坚持抗源材料多样化、慎用或不用热门抗源材料、实现大区(不同生态区)抗病基因合理布局是甘肃陇南抗条锈病育种需长期坚持的策略。在此基础上, 持续不断挖掘和利用新的抗源材料, 进行二线抗源的遗传改良, 筛选和种植具有苗期抗病性特点的品种, 慎种或不种苗期及成株期感病品种。唯如此, 才能降低甘肃陇南条锈菌越冬和秋苗菌源量, 降低冬繁区和春季流行区大批小麦生产品种因抗条锈病性“丧失”而引致大范围流行的风险^[23]。

3.2 中 4 及中梁系材料在育种及生产中的利用价值

中梁系列冬小麦品种适宜在甘肃陇南高海拔山区种植, 该区域也是陇南条锈菌越冬的关键地带。自 20 世纪 50 年代以来, 天水市农业科学研究所先后选育出以 ‘中梁 17 号’ 为代表的 32 个中梁系材料, 并在此区域内广泛种植, 为甘肃省及中国小麦条

锈病的持续控制做出了重要贡献。分析其骨干亲本,来自于小麦-中间偃麦草后代‘中 4’就是其中的代表之一。从 20 世纪 80 年代开始,天水市农业科学研究所以其为骨干亲本,先后选育出‘中梁 17 号’、‘中梁 22 号’、‘中梁 25 号’、‘中梁 27 号’、‘中梁 28 号’等一批适宜于条锈菌越冬区广泛种植的生产品种及衍生系材料,在持续控制甘肃省及中国小麦条锈病的发生流行及保障国家粮食安全方面发挥了重要作用。国内相关专家对其骨干亲本‘中 4’及其子代材料进行研究后发现,其含有丰富的抗条锈病新基因,如杨华安等^[24]、曹世勤等^[25]通过基因推导分析发现,‘中 4’含有未知抗条锈基因;蔺瑞明等^[26]研究发现,‘中 4’对条锈菌 CYR31 和 CYR32 的抗病性由 1 对显性抗性基因控制,且对 CYR32 的抗病性是由 1 对不同于已知抗病基因的新基因控制;抗病基因分子检测发现,‘中 4’衍生系材料‘中梁 22 号’、‘中 93444’、‘中 93447’中分别含有抗条锈病新基因 *Yrzhong22*、*Yrzhong93444* 和 *Yrzhong93447*,且分布于不同染色体上,是有别于已知抗条锈基因的新基因^[27-29]。本试验对 8 个中梁系列冬小麦品种进行了抗条锈病基因分子检测,结果仅在‘中梁 26 号’、‘中梁 27 号’中检测到抗病基因 *Yr9*,在‘中梁 29 号’中检测到抗病基因 *Yr26*,其他供检测基因未检出,进一步说明中梁系材料中蕴含有丰富的未知抗条锈基因资源,值得进一步研究利用。值得注意的是贾秋珍等监测发现,自 2013 年以来甘肃省小麦条锈菌群体中对‘中 4’苗期有毒性的菌系呈逐年上升趋势,2016 年出现频率达到 1.62%^[9],应引起育种和生产单位的高度关注,以降低条锈菌新致病类型中 4-1 流行的风险。

参考文献

- [1] 李振岐,曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京:中国农业出版社,2002.
- [2] 李振岐. 我国小麦品种抗条锈性丧失原因及其解决途径[J]. 中国农业科学,1980(3):72-77.
- [3] 刘博,刘太国,章振羽,等. 中国小麦条锈菌条中 34 号的发现及其致病特性[J]. 植物病理学报,2017,47(5):681-687.
- [4] LIU T G, PENG Y L, CHEN W Q, et al. First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China to resistance Genes *Yr24* (= *Yr26*) present in wheat cultivar Chuannmai 42 [J]. Plant Disease, 2010, 94 (9): 1163.
- [5] 刘太国,王保通,贾秋珍,等. 2010-2011 年度我国小麦条锈菌生理专化研究[J]. 麦类作物学报,2012,32(3):574-578.
- [6] 贾秋珍,金社林,曹世勤,等. 2004-2009 年甘肃省小麦条锈菌生理专化研究[J]. 中国农学通报,2011,27(9):85-90.
- [7] 黄瑾,贾秋珍,张勃,等. 小麦条锈菌新菌系 G22-9(CYR34)和 G22-14 流行趋势预测[J]. 植物保护学报,2018,45(1):101-108.
- [8] 贾秋珍,黄瑾,曹世勤,等. 感染我国重要小麦抗源材料贵农 22 的条锈菌新菌系的发现及致病性初步分析[J]. 甘肃农业科技,2012(1):3-5.
- [9] 贾秋珍,曹世勤,黄瑾,等. 2013-2016 年甘肃省小麦条锈菌生理小种变异监测[J]. 植物保护,2018,44(6):162-167.
- [10] 黄冲,姜玉英,李佩玲,等. 2017 年我国小麦条锈病流行特点及重发原因分析[J]. 植物保护,2017,43(2):162-166.
- [11] 康振生,王晓杰,赵杰,等. 小麦条锈菌致病性及其变异研究进展[J]. 中国农业科学,2015,48(17):3439-3453.
- [12] 韩德俊,康振生. 中国小麦品种抗条锈病现状及存在问题与对策[J]. 植物保护,2018,44(5):1-12.
- [13] 曹世勤,吕小欢,黄瑾,等. 甘肃省 26 个春小麦品种(系)苗期抗条锈基因分析及成株期抗病性评价[J]. 麦类作物学报,2013,33(3):771-776.
- [14] 陈万权,刘太国,陈巨莲,等. NT/T1443. 1-2007,小麦抗病虫性评价技术规范第 1 部分:小麦抗条锈病评价技术规范[S]. 2007-09-14[2017-03-03].
- [15] CHEN Xianming, SORIA M A, YAN Guiping, et al. Development of sequence tagged site and cleaved amplified polymorphic sequence markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr5* [J]. Crop Science, 2003, 43(6): 2058-2064.
- [16] FRANCIS H A, LEITCH A R, KOEBNER R M D. Conversion of a RAPD-generated PCR product, containing a novel dispersed repetitive element, into a fast and robust assay for the presence of rye chromatin in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 90(5): 636-642.
- [17] 邵映田,牛永春,朱立煌,等. 小麦抗条锈病基因 *Yr10* 的 AFLP 标记[J]. 科学通报,2001,46(8):669-672.
- [18] PENG J H, FAHIMA T, ROEDER M S, et al. High-density molecular map of chromosome region harboring stripe rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides* [J]. Genetica, 2000, 109(3): 199-210.
- [19] LAGUDAH E S, MCFADDEN H, SINGH R P, et al. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat [J]. Theoretical & Applied Genetics, 2006, 114(1): 21-30.
- [20] WANG Chunmei, ZHANG Yiping, HAN Dejun, et al. SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26* [J]. Euphytica, 2008, 159(3): 359-366.
- [21] ZENG Shimai, LUO Yong. Long-distance spread and interregional epidemics of wheat stripe rust in China [J]. Plant Disease, 2006, 90(8): 980-988.
- [22] 宋建荣,张耀辉,岳维云. 甘肃省冬小麦抗条锈育种进展与思路[J]. 麦类作物学报,2010,30(5):981-985.
- [23] 曹世勤,贾秋珍,宋建荣,等. 甘肃省冬小麦抗条锈菌 CYR34 育种策略[J]. 植物遗传资源学报,2019,20(5):1129-1133.
- [24] 杨华安,STUBBES R W. 中国小麦条锈菌鉴别寄主抗条锈基因初步分析[J]. 植物保护学报,1990,17(1):67-72.

地贪夜蛾的田间虫口基数,再加上调查区域靠近老挝,会不断有新的种群迁入越南边境区域,监测和防治工作很难实施。

草地贪夜蛾已在中国和东南亚地区形成东扩北进的迁飞格局^[15],我国和越南有漫长的边境线,草地贪夜蛾入侵定殖越南已形成了迁入虫源基地。草地贪夜蛾在华南及云南地区可终年繁殖,次年北迁为害^[16]。此外,结合草地贪夜蛾的飞行行为和气象数据,其越冬虫源从缅甸、越南北部等东南亚地区也会不断地迁入中国^[17]。东亚季风环流对大尺度迁飞扩散的草地贪夜蛾的预警与防控十分重要,华南及云南越冬区应成为我国草地贪夜蛾防控的主战场^[18]。尤其海南的国家南繁科研育种基地,其建设发展已上升为国家战略^[19],每年繁育近 3 000 多个品种,科研和经济价值高,同时海南是玉米南繁的重要基地,培育出了一大批优异种质资源和良种,重大迁飞性害虫草地贪夜蛾入侵将影响我国南繁种业安全,进一步影响我国粮食安全。

越南北部与我国云南和广西接壤,在边境一线应加强草地贪夜蛾监测预警及防控,要进一步加强与越南相关部门的技术合作,建立境外监测点,双方及时共享数据,开展监测技术、防控技术等多方面的合作,减少草地贪夜蛾迁入我国的虫源基数。

参考文献

- [1] TODD E L, POOLE R W. Keys and illustrations for the armyworm moths of the noctuid genus *Spodoptera* Guenée from the Western Hemisphere [J]. *Annals of the Entomological Society of America*, 1998, 73(6): 722 - 738.
- [2] JOHNSON S J. Migration and the life history strategy of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* in the Western Hemisphere [J]. *Insect Science and its Applications*, 1987, 8: 543 - 549.
- [3] ASHLEY T R, WISEMAN B R, DAVIS F M, et al. The fall armyworm: a bibliography [J]. *Florida Entomologist*, 1989, 72(1): 152 - 202.
- [4] 高月波. 空中虫群飞行行为机制研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2011.
- [5] WESTBROOK J K. Noctuid migration in Texas within the nocturnal aerocological boundary layer [J]. *Integrative and Comparative Biology*, 2008, 48(1): 99 - 106.
- [6] 齐国君, 马健, 胡高, 等. 首次入侵广东的草地贪夜蛾迁入路径及天气背景分析[J]. *环境昆虫学报*, 2019, 41(3): 488 - 496.
- [7] 卢辉, 唐继洪, 吕宝乾, 等. 草地贪夜蛾的生物防治及潜在入侵风险[J]. *热带作物学报*, 2019, 40(6): 1237 - 1244.
- [8] 郑加兴, 覃嘉明, 覃永媛, 等. 鲜食甜糯玉米桂甜糯 525 越南鉴定表现[J]. *中国种业*, 2019(6): 87 - 89.
- [9] 王威豪, 吴全清. 分析越南农作物种子市场需求, 推动广西种业走向东盟[J]. *中国种业*, 2016(11): 1 - 3.
- [10] WAQUIL J M, DOURADO P M, CARVALHO R A, et al. Manejo de lepidópteros-praga na cultura do milho com o evento Bt piramidado Cry1A. 105 e Cry2Ab2 [J]. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 2013, 48(12): 1529 - 1537.
- [11] 越南农业部拟扩大转基因玉米种植面积[J]. *农药*, 2017, 56(1): 64.
- [12] Fall armyworm attacks Vietnam's agriculture [EB/OL]. [2019 - 07 - 25] <https://vietnamnet.vn/en/sci-tech-environment/fall-armyworm-attacks-vietnam-s-agriculture-552723.html>.
- [13] 何沐阳, 李建芳, 任璐, 等. 基于有虫株率与幼虫密度关系的玉米苗期草地贪夜蛾发生程度分级研究[J]. *环境昆虫学报*, 2019, 41(4): 748 - 753.
- [14] GROSSNIKLAUS B C, LANZREIN B. Endocrine interrelationship between the parasitoid *Chelonus* sp. and its host *Trichoplusia ni* [J]. *Archives of Physiology and Biochemistry*, 1990, 14: 201 - 216.
- [15] 吴秋琳, 姜玉英, 吴孔明. 草地贪夜蛾缅甸虫源迁入中国的路径分析[J]. *植物保护*, 2019, 45(2): 1 - 6.
- [16] 杨普云, 常雪艳. 草地贪夜蛾在亚洲、非洲发生和影响及其防控策略[J]. *中国植保导刊*, 2019, 39(6): 88 - 90.
- [17] LI Xijie, WU Mingfei, MA Jian, et al. Prediction of migratory routes of the invasive fall armyworm in eastern China using a trajectory analytical approach [J/OL]. *Pest Management Science*, 2020, 76(2): 454 - 463.
- [18] 齐国君, 马健, 胡高, 等. 首次入侵广东的草地贪夜蛾迁入路径及天气背景分析[J]. *环境昆虫学报*, 2019, 41(3): 488 - 496.
- [19] 陈冠铭, 曹兵, 刘扬. 国家南繁育种制种产业发展战略路径研究[J]. *种子*, 2017, 36(1): 68 - 72.

(责任编辑: 杨明丽)

(上接 203 页)

- [25] 曹世勤, 张勃, 李明菊, 等. 甘肃省 50 个主要小麦品种(系)苗期抗条锈基因推导及成株期抗病性分析[J]. *作物学报*, 2011, 37(8): 1360 - 1371.
- [26] 蔺瑞明, 邱婷, 管秀娜, 等. 中国小麦条锈病菌鉴别寄主中 4 抗病基因遗传组成分析[J]. *植物保护学报*, 2007, 34(6): 573 - 579.
- [27] 杨敏娜, 徐智斌, 王美南, 等. 小麦品种中梁 22 抗条锈基因的

- 遗传分析和分子作图[J]. *作物学报*, 2008, 37(4): 1280 - 1284.
 - [28] 王岭岭, 侯冬媛, 王文立, 等. 小麦品系中梁 93444 的抗条锈性遗传分析和分子作图[J]. *植物保护学报*, 2011, 38(2): 109 - 115.
 - [29] 杨悦, 马东方, 王文立, 等. 中梁 93447 抗条锈病基因遗传分析和分子作图[J]. *植物病理学报*, 2010, 40(5): 82 - 88.
- (责任编辑: 杨明丽)